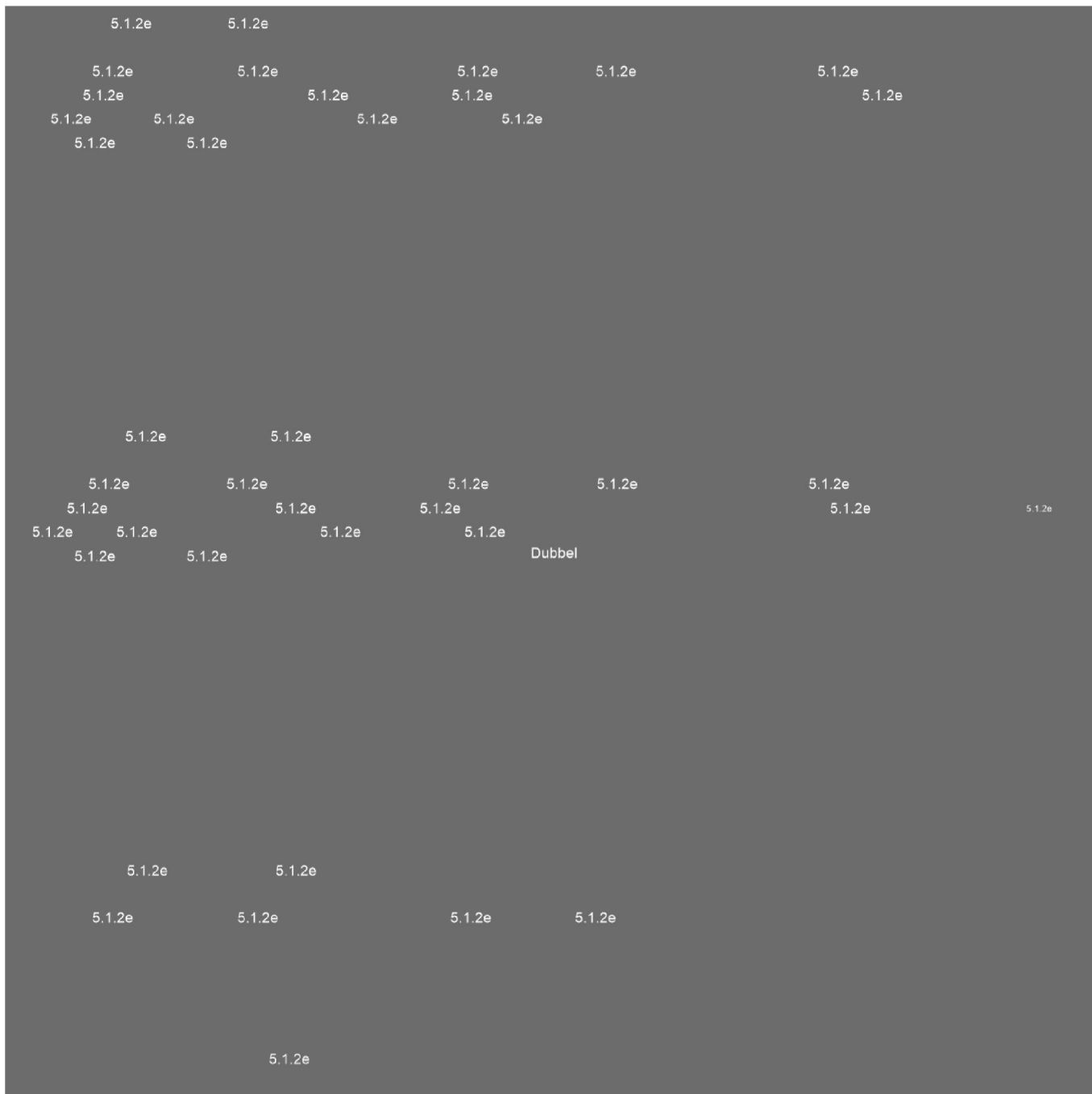


To: [redacted] [redacted]@rivm.nl; [redacted] [redacted]@rivm.nl; [redacted] [redacted]@rivm.nl
From: [redacted]
Sent: Tue 9/1/2020 9:48:27 AM
Subject: RE: voorstel tot rapportage sequence data van bijzondere SARS-COV-2 casus
Received: Tue 9/1/2020 9:48:28 AM

Ik heb er over nagedacht hoe we dit zouden moeten doen maar ik ben er nog niet helemaal uit
Een type aanduiding volgens het pangolin schema is helaas niet erg reproduceerbaar omdat het schema blijft
veranderen, de gisaid indeling is veel te grofmazig
Zelf zie ik het meest in een schema op basis van snps tov de referentie stam, dat blijft altijd hetzelfde voor
bestaande sequenties, nieuwe sequenties zouden nieuwe snps kunnen hebben maar dat verandert niets aan de
ouden, er komt alleen een kolom bij waar de ouden identiek zijn aan de referentie sequentie
Hoe we dat rapporteren is nog een puzzeltje

[redacted]



5.1.2e

5.1.2e
5.1.2e

Dubbel

5.1.2e